

2020 年湖南省研究生数学建模竞赛

竞赛承诺书

我们仔细阅读了湖南省研究生数学建模竞赛的竞赛规则。

我们完全明白，在竞赛开始后参赛队员不能以任何方式（包括电话、电子邮件、网上咨询等）与队外的任何人（包括指导教师）研究、讨论与赛题有关的问题。

我们知道，抄袭别人的成果是违反竞赛规则的，如果引用别人的成果或其他公开的资料（包括网上查到的资料），必须按照规定的参考文献的表述方式在正文引用处和参考文献中明确列出。

我们郑重承诺，严格遵守竞赛规则，以保证竞赛的公正、公平性。如有违反竞赛规则的行为，我们将受到严肃处理。

我们授权湖南省研究生数学建模竞赛组委会，可将我们的论文以任何形式进行公开展示（包括进行网上公示，在书籍、期刊和其他媒体进行正式或非正式发表等）。

我们参赛选择的题号是（从组委会提供的试题中选择一项填写）： A

我们的参赛报名号为（如果组委会设置报名号的话）： 202018001015

所属学校（请填写完整的全名）： 国防科技大学

参赛队员（打印并签名）： 1. 张福乐

2. 李泽宾

3. 荆佳茵

指导教师或指导教师组负责人（打印并签名）： 王丹

日期： 2020 年 11 月 30 日

评阅编号（由组委会评阅前进行编号）：

评阅编号：
(由组委会填写)

2020 年湖南省高校第五届研究生数学建模竞赛

编 号 专 用 页

评阅记录：

评 阅 人						
备 注						

(请勿改动此页内容和格式。此编号专用页仅供评阅使用。)

基于 SEIRS 模型的新冠疫情传播分析

摘要

本文主要研究新冠肺炎疫情防控策略优化问题，具体包括不同国家防控措施对疫情传播的影响、疫情对各个国家经济的影响以及建立新冠肺炎疫情防控策略优化方案并预测 2021 年疫情及经济变化趋势等 3 个问题。

在问题一求解中，本文在 SEIR 模型的基础上进行改进，建立 SEIRS 模型对中国、美国、印度、巴西等国家新冠肺炎疫情已有数据进行拟合分析，预测疫情的发展状况，并利用图表清晰明了地展示了拟合和预测结果。SEIRS 模型拟合准确，充分考虑了新冠抗体随时间减少的因素，可以在长时间长范围预测疫情更加稳定准确。

在问题二求解中，基于 DSGE 模型，在已有离散数据的基础上对各个国家的经济进行拟合，并与真实数据进行对比分析，得出不同疫情成本下的经济状况，综合分析各国新冠疫情的特点，将不同程度的疫情对供给消费贸易等的影响，综合得出各个国家疫情对其经济产生的影响。

问题三求解中，根据问题一和问题二所建立的模型，通过对各个国家建立不同的防控措施，减少疫情防控成本，综合考虑疫情走势和经济发展，预测出在该策略下这些国家经济在 2021 年的走势，并利用图表给出结果。

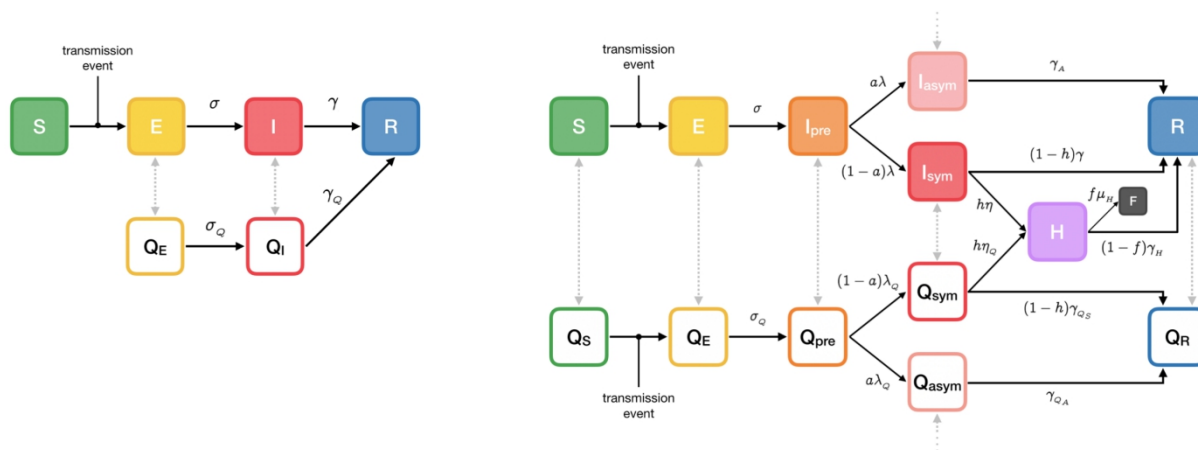
关键词：新冠肺炎疫情、SEIRS 模型、DSGE 模型、防控措施、经济预测。

1 问题重述

面对突如其来的新冠肺炎疫情，各国采取不同的应对措施，使得其已经发展和经济走势都有了不同的变化。问题主要是从已有的数据出发，分析各个国家的疫情发展趋势以及经济走向，建立模型进行分析，并给出相应的措施和结果。

2 问题一模型建立与求解

2.1 模型假设



疾病状态

该模型扩展了经典的传染病 SEIR 模型，以表示症状前，无症状和严重症状的疾病状态，这些疾病状态与 COVID-19 大流行特别相关。经典的 SEIR 模型将人口分为易感 (S)，暴露 (E)，传染性 (I) 和康复 (R) 个体。在此扩展模型中，传染性亚群进一步细分为有症状前 (I_{pre})，无症状 (I_{asym})，有症状 (I_{sym}) 和住院 (严重症状的 I_H) 室。所有这些 I 区室都代表具有传染性的个体，但是在这些疾病状态之间，可传播性，进展速度和其他属性可能会有所不同。

与感染个体进行传染性接触时，人群中的易感 (S) 成员被感染 (暴露)。新接触的 (E) 个人首先会经历一段潜伏期，在这段时间内他们不会传染 (例如，病毒正在复制，但在脱落之前)。被感染的个体然后发展为症状前的感染状态 (I_{pre})，在这种状态下，他们具有传染性，但尚未出现症状。一些传染性个体继续出现症状 (I_{sym})，而一部分人口尽管具有传染性却从未出现症状 (I_{asym})。有症状的患者有一部分进入严重的临床状态，必须住院治疗 (I_H)，而部分严重病例是致命的 (F)。在感染期结束时，受感染的个体进入恢复状态 (R)，不再具有传染性或不易感染。与 SEIR S 模型一样，恢复的个体在恢复后的某些时间可能会易感 (尽管如果不适用或不希望，则可以排除易感性)。这些模型还支持动态模型。

检疫国家

通过引入代表隔离个体的隔离区，可以模拟基于隔离的干预措施的效果 (例如，对测试或联系人追踪进行隔离)。可以在任何疾病状态下隔离一个人，并且每个疾病状态都有一个相应的隔离区 (住院状态除外，住院状态被认为是用于传播和其他目的的隔离状态)。被隔离的个体在疾病状态中遵循相同的进程，但是过渡率或其他参数可能不同。可以通过多种方法将个人移入或移出隔离状态。

联络网络

考虑代表个人 (节点) 及其相互作用 (边) 的图 G。每个个体 (节点) 都有一个状态 (S, E, I_{pre}, I_{sym}, I_{asym}, H, R, F 等)。与个体 i 相邻 (通过边连接) 的节点集定义了它们的“紧密接触”集 C_G(i) (以黑色突出显示)。在给定时间，以从它们的组的概率密切接触的随机个体每个个体进行接触 (1-P) 或用从任何地方的随机个体在网络中 (在 TEAL 高亮显示) 的概率 p。后面的“全球”联系人

表示与公众互动的个体（即，某人的社交圈之外的个体），例如在公共交通，事件等方面。参数 p 定义了网络的位置：对于 $p = 0$ 时，一个人只与其近距离接触者互动，而 $p = 1$ 时，代表一个均匀混合的群体。远离社会的干预措施可能会增加网络的局部性（即，降低 p ）和/或降低网络的局部连接性（即，降低个人程度）。

当易感个体与传染性个体接触时，他们可能会暴露。传播的可能性通常取决于传染性个体的可传播性和易感个体的易感性（这些参数的乘积可以认为是对相互作用边缘的加权）。

隔离联系人

另一个图 G_Q 表示每个人处于隔离状态时的交互。隔离具有使连接被隔离的个人与其他人的边缘的一部分下降的作用（根据生成图形 G_Q 时用户选择的规则）。然后， G_Q 的边缘（以紫色突出显示）是该个人的 G 正常边缘的子集。与被隔离个体相邻的节点集合 i 定义了它们的“隔离联系人”集合 $C_Q(i)$ （以紫色突出显示）。在给定的时间，隔离的个体以概率 $(1-p)$ 与他们的隔离接触集中的个体接触，或者以概率 p 与网络中任何地方的随机个体接触。参数 q （向下）加权相对于基准线在隔离时与总体的交互强度。隔离区中个体的透射率，磁化率和其他参数可能会有所不同。

动力学

随机网络动力学是使用 Gillespie 算法进行模拟的。简而言之，该系统的微分方程适用于在每个时间步长为所有节点计算可能的状态转变的“倾向”（即，直到发生给定转变的预期时间）。然后使用这些倾向来计算在整个总体上归一化的所有可能状态转变的概率。在每个时间步长中根据这些概率选择一个随机节点和相应的过渡。Gillespie 算法是一种模拟随机交互动力学的常用且严格的方法。

异质性

与不对人口个体成员建模的均场隔室模型不同，网络模型明确地将个体表示为离散节点。所有模型参数都分别分配给每个节点。因此，网络模型可以根据用户的意愿支持任意参数的异构性。另外，接触网络的规范还允许交互模式中的异质性也得到明确建模。

传播

当易感个体与感染个体接触时，可能发生疾病的传播。在随机网络模型中，个体以概率 p 与来自整个人口（例如，在公共场所）的随机个体接触，或者与他们的紧密接触集中的个体以概率 $(1-p)$ 接触。在这种接触过程中实际发生传播事件的可能性与易感个体的药敏度 α 和被感染个体的透射率 β 的乘积成正比。在个人与整个人口之间发生的传播被称为全球传播，并且个人与其亲密联系人（网络邻居）之一之间的传输称为本地传输。另外，一个人可能会与目标人群以外的人接触，可能导致该疾病的外源性传入。

传播参数 β 可以通过以下标准公式与基本繁殖数 R_0 （即，单个感染者在完全易感人群中产生的新感染的预期数目）相关：

在扩展模型中，症状前，无症状和有症状的感染状态分别表示。前和无症状个体的传递是由参数给定的 $\beta_{\text{前}}$ ，其可以从基线症状的透过率不同 β 。同样，传染性个人在隔离状态下的传递由参数 β_Q 给出。与网络模型中的所有参数一样，可传输性参数是在各个基础上分配给每个节点的，并且对于任何可传输性参数，填充量可以由用户决定是否是同质的或异构的。

全球传播

分数 p 给定个体的交互作用是与从总体人口中随机抽样的个体进行的，与接触网络无关。这些全球性联系代表与罕见的相识者或不知名的公众（例如，在杂货店，公共交通，事件中）的一次性接触。关于这些全局交互作用，总体中的每个节点都可能与其他每个节点接触，因此总体可以被认

为是充分混合的。因此，以与假设总体混合良好的平均场区室模型相同的方式计算全球传播的倾向。给定易感个体由于全球传播而暴露的倾向与该个体的敏感性乘积成正比，

对症状群的特定个体的倾向暴露的贡献涉及到有症状者的平均传输率，并有症状者在总人口患病率我 SYM / N 。前和无症状感染个体的贡献包括无症状个体的平均传输率和患病率的（我预先+我 $ASYM$ ）/ N 。同样，传染性个体在隔离区的贡献涉及被隔离个体的传播能力及其患病率（ $Q_{sym} + Q_{pre} + Q_{asym}$ ）/ N 。

本地传输

给定个体交互的一部分 $1-p$ 与来自其“紧密联系”集合的个体进行互动，这些“紧密联系”定义为与联系网络中给定节点相邻的节点（即本地）。这些亲密接触代表了经常与之互动的个人，例如室友，同事，朋友等。

关于本地传输，以成对为基础来考虑可传输性。也就是说，表示从受感染的节点传输的接触网络的每一个向边 j 易受节点我被分配一个传递重量 β_{ij} 。默认情况下，这样的相互作用的传递率被假定为等于被感染的个体（即， i 的传递率 $\beta_{ij} = \beta_i$ ），但指定成对传递率的其它方法是可能的，包括一个可透基质的规范。

给定易感个体由于局部传播而暴露的倾向的计算方法是：该个体的易感性与其传染性密切接触者的总传播率之和，除以其局部网络的规模。这等于节点 i 的暴露倾向与他们的易感性和传染性个体在其本地网络中的传播率加权患病率的乘积成正比。因此，由于局部传播而引起的暴露倾向与频率有关，并且类似于来自整体传播的倾向性贡献。这种频率依赖性意味着在 10 个紧密接触中具有 1 个传染性接触的个体暴露的可能性是在 20 个紧密接触中具有 1 个传染性接触的个体的两倍。在此表述中隐含一个假设，即所有个人都具有相等的互动预算（例如，与他人互动所花费的时间相等），并且具有更紧密联系（即，较高程度）的个人与每个联系人的互动较少，因此可能性较小暴露给任何给定的个人。

与全局传送，对症，预/无症状，并隔离传染性接触到的倾向的贡献为曝光分别使用不同组的成对传递参数处理（ β_{ij} ， β_i ， $\beta_{Q_{ij}}$ 分别）。

连接校正因子

另外一个因素 δ_{ij} 出现在倾向曝光的计算由于本地传输。该成对因素可用于根据交互个体的连通性来加权交互的可传递性。例如，可能有兴趣增加高度连接的节点之间的似然传输（好像拥有更多联系的人也具有更强的交互作用），以部分抵消所有个人都有一个互动预算相等。备选地，可以使用该成对因子来将成对交互加权为其他连通性属性（或者实际上是任何其他任意准则）的函数的 `ExtSEIRNetworkModel` 类实现（没有校正项默认使用可选）用于加权本地传输的倾向作为交互节点的度的功能的几个选项。一种选择 `upweights` 高度连接的节点之间的似然性传输，具有 δ_{ij} 定义为

其中 D_j 和 D_i 分别是节点 j 和 i 的度，并且是网络的平均度。使用 j_i 的定义，当两个个体的平均程度比总体总体的平均程度大一个数量级时，则其接触中的接触倾向的权重将为两个平均联系个体的接触倾向的两倍。这只是定义 j_i （作为便捷选项实现）的一种方法，但是用户可以为该术语提供自己的值，也可以选择不按需使用它。

外生的介绍

该模型将感兴趣的人群定义为一组个人（节点）及其联系网络。通常用一些预先存在的案例来初始化此类种群，然后模拟源自那些初始案例的传播。但是，考虑从感兴趣的人群外部不断引入该疾病的影响也可能是令人感兴趣的。例如，一名员工可能以前在家中被感染，并将疾病带入工作场所，或者某人可能与来自另一个城市的传染病游客互动，从而在他们的社区中引入了新的传播链。

该框架提供了以下两种用于建模外生介绍的方法。

基于费率的介绍

在此模型中，每个个体都以概率 α 与来自其自身种群之外的另一个个体进行交互，并且以概率 $(1-\alpha)$ 与其自身种群内的个体进行交互。上面讨论的充分混合的全局交互作用和基于网络的本地交互作用的概率仅与人口内部交互作用有关。默认情况下，假设 $\alpha = 0$ ，并且所有交互都在目标群体内发生。但是，将 $\alpha > 0$ 设置为允许个体与感兴趣的群体之外的其他人进行交互，这可能导致新的外源性暴露。

假定这些外部接触，以使用具有由参数给定的感染流行一些良好混合的外部人口进行 π 分机。外源性暴露的倾向以与总体总体内部暴露相同的平均场方式计算，但使用外部而非内部流行率。假定外部人群中个体的可传播性等于相关人群中个体的平均症状可传播性。因此，对于倾向给定的易感个体我由于外源性引进而暴露的程度与该个体的易感性，该个体在人群中的平均传播率以及外部人群中传染性个体的患病率的乘积成正比。外部流行度可能会在模拟过程中发生变化

干预措施

该框架为实施重要的公共卫生干预措施的模拟提供了多种选择，包括测试，接触者追踪，隔离和社会隔离。

还提供并记录了复杂而灵活的测试，跟踪和隔离（TTI）仿真循环。可以对这个模拟循环进行参数化，以模拟各种相关方案，包括减轻社区和工作场所的 TTI，并且是实现自己的其他方案的有用起点。

测验

基于费率的测试

可以使用隔离区隔和相关的状态转换对测试进行建模（图中的突出箭头）。易感，曝光，症状前，症状和无症状的个体在速率测试 θ 小号， $\theta \bar{e}$ ， θ 预， θ 符号，和 θ ASYM，分别与试验正用于与概率（即，灵敏度）感染 ψ 小号， $\psi \bar{e}$ ， ψ 预， ψ 符号，和 ψ ASYM。阳性测试结果会将个人转移到适当的隔离状态，在隔离状态下，传输，进程，恢复，网络连接或其他属性的速率可能会有所不同。个人保持隔离状态，直到达到其指定的隔离时间为止。

请注意，此实现假定个体在相应于给定的平均检测率指数分布区间随机试验 θ 小号， $\theta \bar{e}$ ， θ 前， θ 符号和 θ ASYM。可以使用如下所述的手动测试功能对更复杂的测试和隔离协议进行建模。

手动测试

可以通过在仿真过程中与模型代码进行接口来实现测试。可以随时通过访问模型对象的属性来检查和修改个人的车厢状态和其他属性。例如，可以通过访问个体的状态并通过某种测试逻辑运行个体的状态（例如，对测试敏感性进行建模）来对个体进行测试，然后可以修改被认为是阳性的个体的状态或参数（例如，将其移入隔离状态）。通过以这些方式与模型对象接口，定制的仿真循环可以执行任何任意的测试协议。测试的时间安排，选择标准，灵敏度逻辑，周转时间和肯定测试的结果都可以在自定义仿真循环中按需处理。TTI 仿真循环。

联系人跟踪

基于速率的跟踪

考虑到接触网络，我们可以定义与接触追踪相对应的隔离区状态转换，在此状态下，更容易测试阳性个体的紧密接触。这种基于速率的联系人跟踪实现使用隔离区隔和关联的状态转换。在这里，由于一个人的接触追踪而被测试的速度等于被积极测试的其紧密接触的数量 ϕ 倍。究其根源，个人积极进行自我检测与给定的概率（即灵敏度） ψ 小号， $\psi \bar{e}$ ， ψ 前， ψ 符号和 ψ ASYM，根据他们的疾病状态（假阳性率被假定为零）。阳性测试结果会将个人转移到适当的隔离状态，在隔离状态下，传输，进程，恢复，网络连接或其他属性的速率可能会有所不同。个人保持隔离状态，直到达到其指定的隔离时间为止。

请注意，此实现假定个人是由于在相应于给出的平均跟踪率指数分布区间跟踪测试 ϕ 小号， $\phi \bar{e}$ ，

ϕ 前, ϕ 符号, 和 ϕ ASYM。可以使用手动跟踪功能对更复杂的跟踪协议进行建模, 如下所述。

手动追踪

或者, 可以通过在仿真过程中与模型代码进行接口来实现跟踪。可以随时通过与存储在模型对象中的对应图进行接口来引用联系网络。所述 `ExtSEIRNetworkModel` 类包括一个 `get_neighbors()`用于返回给定节点的密切接触, 其可随后在一个用户定义的模拟循环被用于引导的列表功能手动测试或先发制人隔离那些跟踪联系人。除此之外, 整个联系网络图都可在模型对象中访问, 并可用于更复杂的基于网络的干预协议。

隔离

通过介绍隔离状态来模拟个人防护。当个体对疾病进行阳性测试或由于其他标准, 例如与阳性个体的密切接触, 特定年龄组等所致, 可能会进入隔离状态。处于隔离状态的个体会根据在检疫网络接触, 并且各种参数可以不同在检疫个人来定义。

当使用基于速率的测试和/或接触跟踪方法时(即, 当测试速率 θ 和/或跟踪速率 ϕ 不为零时), 个体将以与指定的测试/跟踪速率相对应的速率自动进入适当的隔离状态和敏感性。

所述 `ExtSEIRNetworkModel` 类还包括一个 `set_isolate()`可被称为移动正常和隔离状态之间的给定节点在一个用户定义的模拟循环手动函数(个体的状态, 也可以通过直接更新所述模型对象的相应状态变量修改)。这些手动隔离选项使个人无需经过测试即可进入隔离区, 例如在主动隔离阳性病例的联系人(例如室友, 同事)中。

个人孤立度过的时间量由类的 `isolation_time` 参数设置 `ExtSEIRNetworkModel`。个体在经历疾病状态时一直处于隔离状态, 直到达到总隔离时间为止, 此时他们被移入适当的未隔离疾病区室。也可以使用 `set_isolate()`函数手动删除个人, 也可以通过直接更新 `ExtSEIRNetworkModel` 模型对象中的相应状态变量将其移出隔离状态。

社交隔离

可以通过指定具有反映距离情景的结构联系网络, 来实现社会距离和相关干预措施(例如, 锁定, 留在家中的订单, 特定人群的“茧”化)。可以通过在仿真过程中更改联系网络的结构来探索动态距离场景。使用该类的检查点功能, 可以轻松地在指定时间点之间在联系网络之间进行更改 `ExtSEIRNetworkModel`。也可以通过 `ExtSEIRNetworkModel` 直接在用户定义的仿真脚本中更新由模型对象存储的图形来手动更改联系网络。

2.2 符号说明

状态之间的转换速率由以下参数控制:

- σ : 传染性发展速度(潜伏期的倒数)
- λ : 发展为(a)有症状状态的速度(有症状前期的倒数)
- a : 被感染个体无症状的可能性
- h : 有症状个体住院的概率
- η : 进展为住院状态的速度(发病至入院时间的倒数)
- γ : 非住院症状患者的恢复率(症状感染期的倒数)
- $\gamma_{甲}$: 用于无症状个体恢复(无症状传染期的倒数)的速率
- γ_h : 恢复症状住院个体的速率(住院传染期的倒数)
- f : 住院患者的死亡概率(病死率)

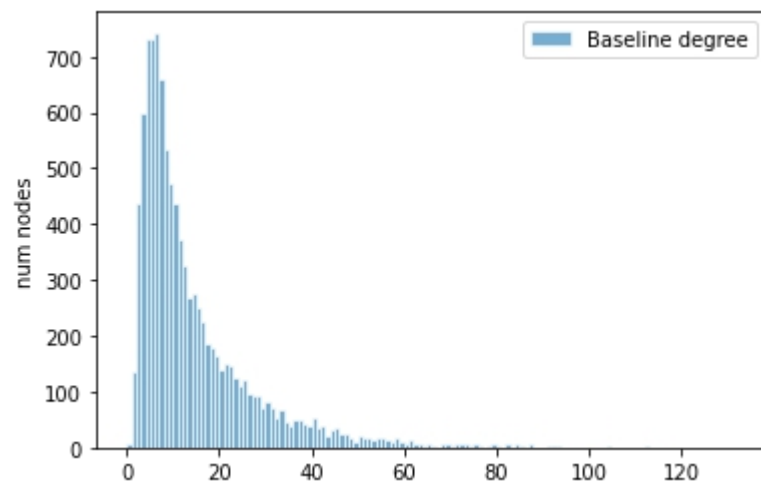
μh : 死亡的速率为住院个体（入场到死亡期的倒数）
 ξ : 重感率（暂时免疫期的倒数；如果是永久免疫，则为 0）
 对于 $a = 0$, $h = 0$ 和 $\sigma \rightarrow 0$, 扩展模型简化为基本 SEIRS 模型。

除了上面给出的参数外，隔离状态之间的转换还由以下参数控制：

σQ : 进展为传染性的速率为隔离个体（潜伏期的倒数）
 λQ : 进展速度的（a）有症状的状态隔离个体（症状前时期的倒数）
 ηQ : 进展速度来住院状态隔离个体（发病到入院期间的倒数）
 γQ 小号: 用于隔离的非住院个体症状恢复（症状性传染期的倒数）的速率
 γQ 甲: 用于非住院无症状个体的恢复率（无症状传染期的倒数）

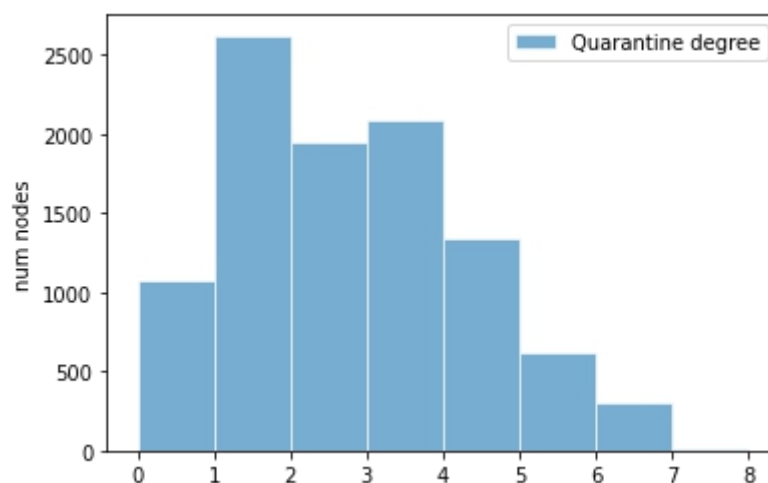
2.3 参数描绘

图 1: Baseline 基线



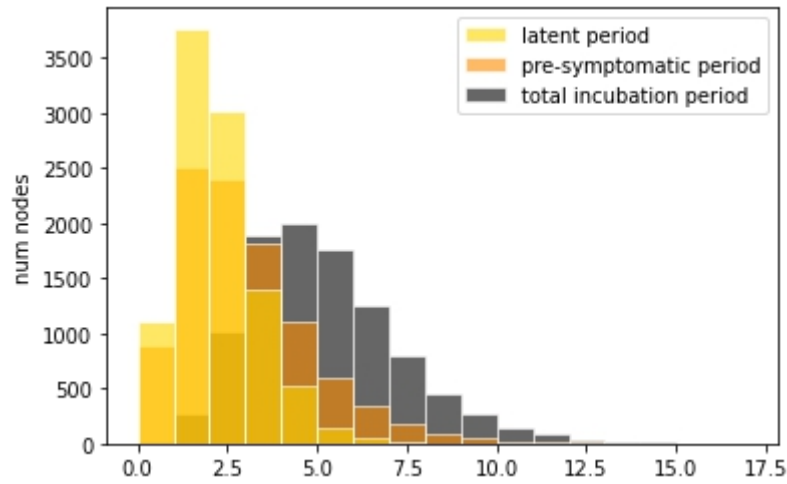
基线设定：平均值= 14.10，标准差= 13.58，95%CI = (2.00, 52.00) 系数方差 = 0.96
 分类性: 0.12 聚类系数: 0.25

图 2: Quarantine 隔离



隔离设定：平均值= 2.31，标准差= 1.55，95%CI = (0.00, 6.00) 系数方差 = 0.67
 分类性: 0.95
 聚类系数: 0.60

图 3: latent period 潜伏期 pre-symptomatic period 症状前期 total incubation period 总潜伏期

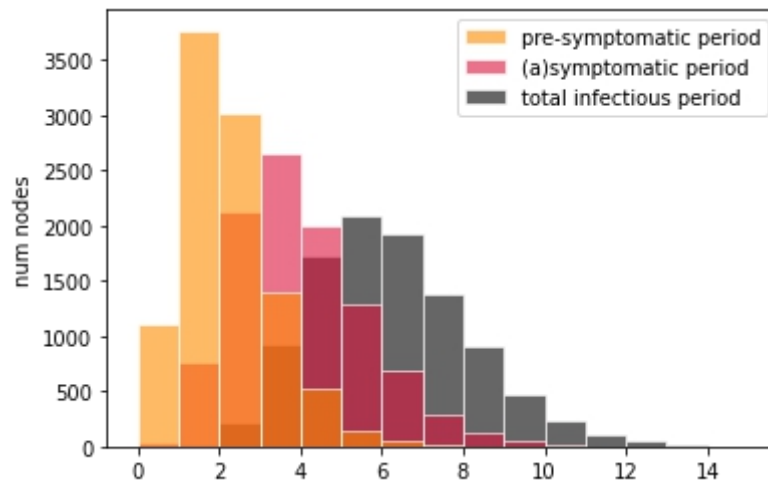


潜伏期: 平均值= 2.21, 标准差= 1.10, 95%CI = (0.59, 4.84)

症状前期: 平均值= 2.99, 标准差= 1.80, 95%CI = (0.55, 7.50)

总潜伏期: 平均值= 5.21, 标准差= 2.12, 95%CI = (1.95, 10.22)

图 4: pre-symptomatic period 症状前期 (a)symptomatic period (a)症状期 total infectious period 总感染期

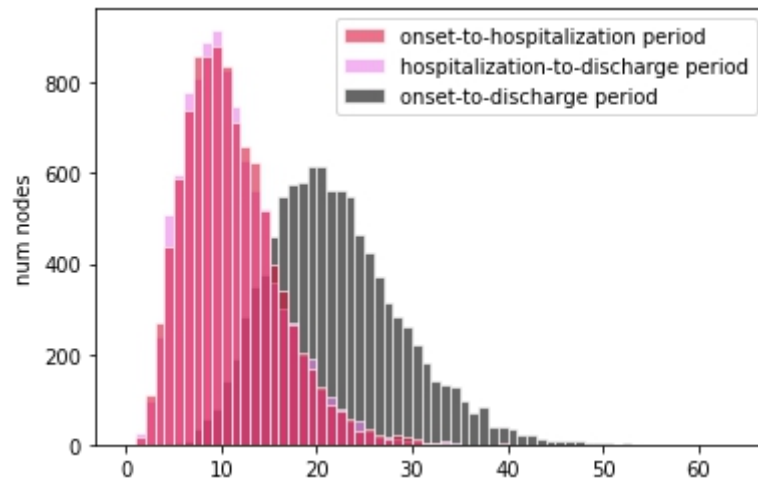


症状前期: 平均值= 2.21, 标准差= 1.10, 95%CI = (0.59, 4.84)

(a) 症状期: 平均值= 4.01, 标准差= 1.60, 95%CI = (1.51, 7.63)

总感染期: 平均值= 6.22, 标准差= 1.93, 95%CI = (3.03, 10.63)

图 5: onset-to-hospitalization period 住院期间 hospitalization-to-discharge period 住院至出院期间 onset-to-discharge period 发病至出院期

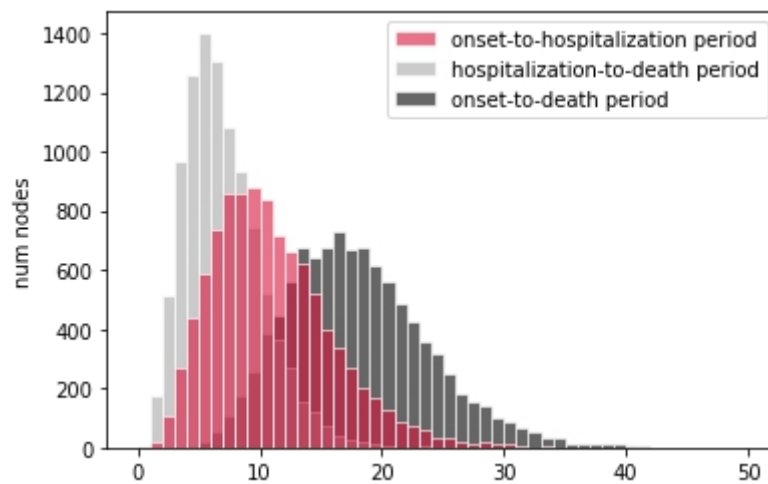


住院期间：平均值= 11.00，标准差 = 4.94，95%CI = (3.54, 22.54)

住院至出院期间：平均值= 10.94，标准差= 4.96，95%CI = (3.61, 22.57)

发病至出院期：平均值= 21.94，标准差= 7.02，95%CI = (10.54, 37.75)

图 6: onset-to-hospitalization period 住院期间 hospitalization-to-death period 住院至死亡期间
onset-to-death period 发病至死亡期间

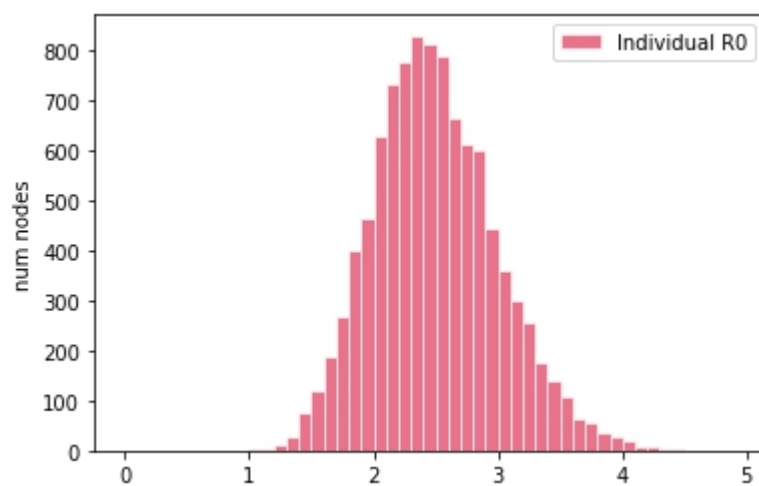


住院期间：平均值= 11.00，标准差 = 4.94，95%CI = (3.54, 22.54)

住院至死亡期间：平均值= 6.99，标准差 = 3.16，95%CI = (2.22, 14.45)

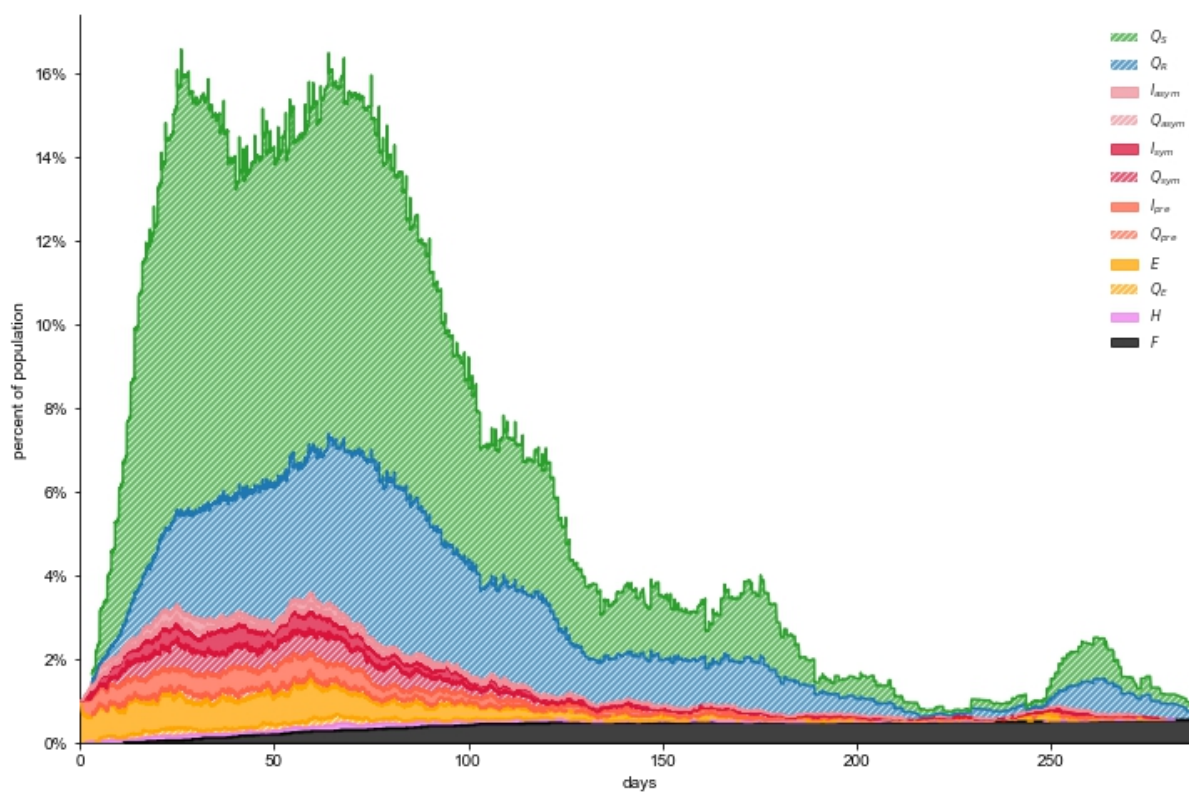
发病至死亡期间：平均值= 18.00，标准差 = 5.87，95%CI = (8.46, 31.15)

图 7: Individual R0 基本繁殖数



基本繁殖数 R_0 : 平均值= 2.50, 标准差= 0.50, 95%CI = (1.61, 3.58)

图 8: 运行结果



2.4 模型结果

最终模型求解结果

图 9: 中国确诊预测(淡线为预测, 虚线为范围)

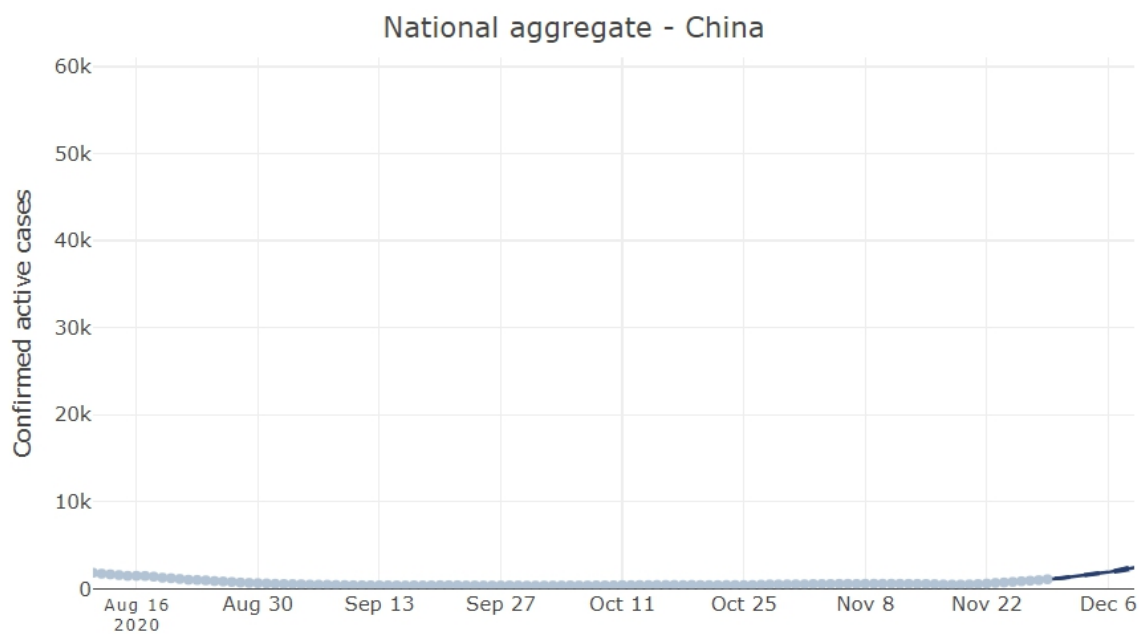


图 10: 巴西确诊预测(淡线为预测，虚线为范围)

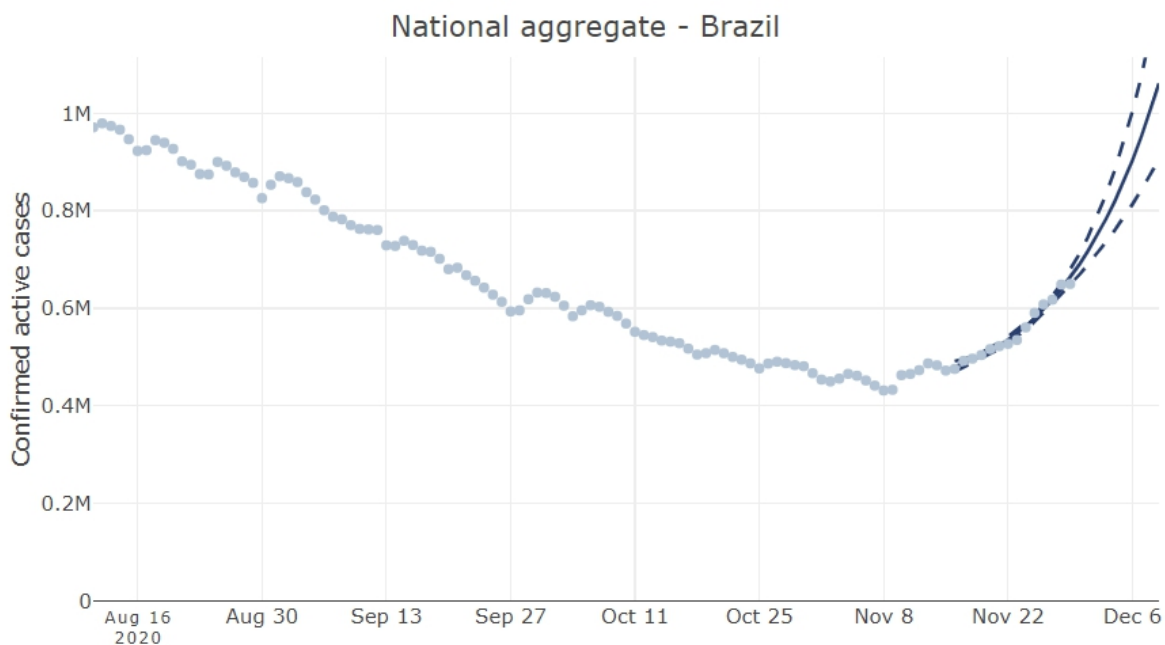


图 11: 美国确诊预测(淡线为预测，虚线为范围)

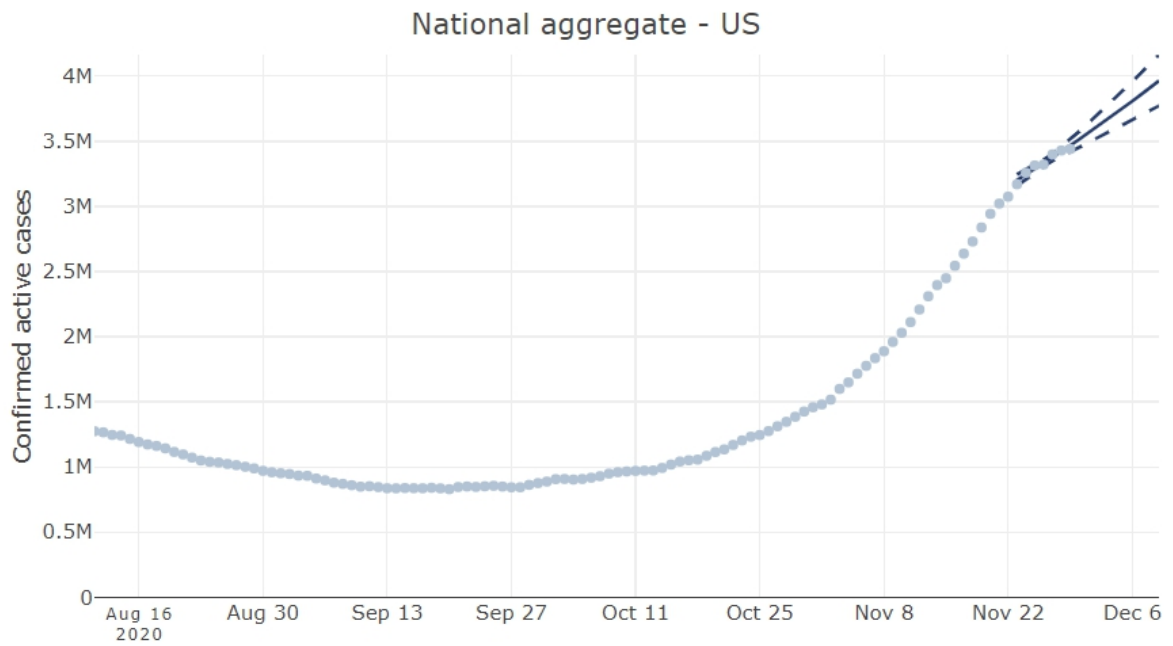
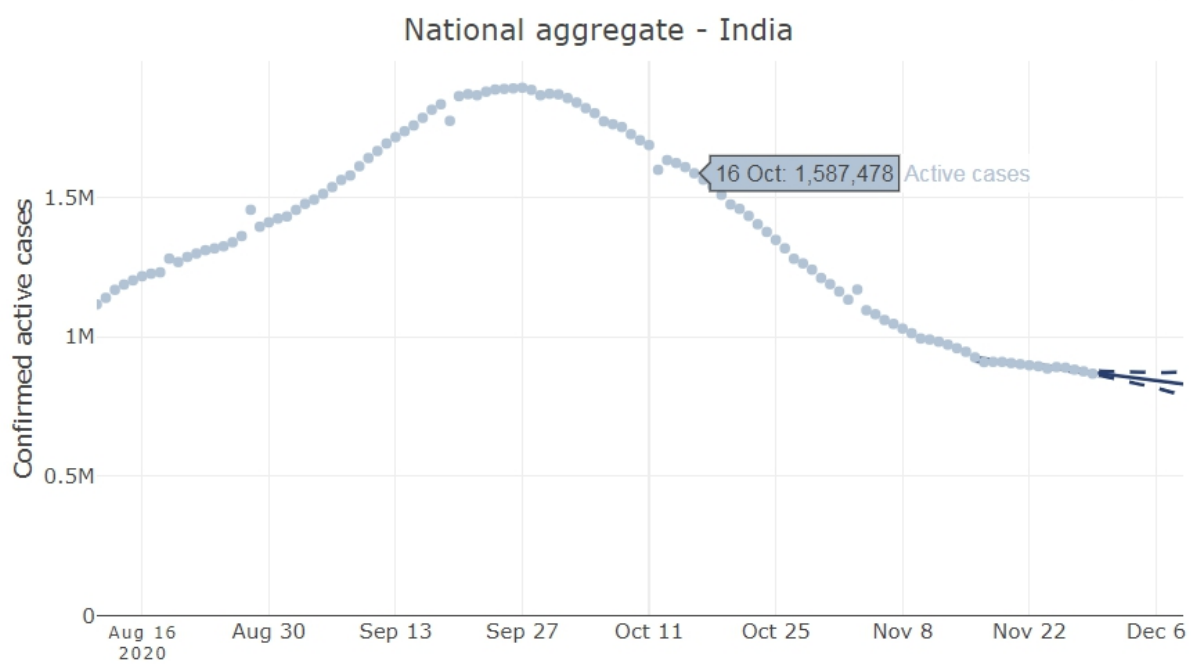


图 12：印度确诊预测(淡线为预测，虚线为范围)



3 问题二的模型建立与求解

3.1 模型综述

动态随机一般均衡模型（dynamic stochastic general equilibrium model，即 DSGE），是以微观和

宏观经济理论为基础，采用动态优化方法考察个行为主体（家庭、厂商等）的决策，即在家庭最大化其一生效用、厂商最大化其利润的假设下得到个行为主体的行为方程。各行为主体在决策时必须考虑其行为的当期影响，以及未来的后续影响，同时，现实经济中存在诸多的不确定性，因此，DSGE模型在引入各种外生随机冲击的情况下，研究各主体之间的相互作用和相互影响

其主要特征有：

（1）动态

“动态”指经济个体考虑的是跨期最优选择（Inter-temporal Optimal Choice）。因此，模型得以探讨经济体系中各变量如何随时间变化而变化的动态性质。

（2）随机

“随机”则指经济体系受到各种不同的外生随机冲击所影响。举例来说，可能冲击有：技术性冲击（Technology Shock）、货币政策冲击（Monetary Shock）或是偏好冲击（Preference Shock）等。

（3）一般均衡

“一般均衡”意指宏观经济体系中，消费者、厂商、政府与中央银行等每一个场参与者，在根据其偏好及对未来的预期下，所做出最优选择的总和。应用在房产税影响上可以得出税改对市场均衡的影响。

3.2 模型推导

本文所运用的模型主要根据该经典模型的设定而得出，并根据中国实际的经济关系进行略微调整。在模型的基本分析框架中，家庭依据效用最大化进行决策，厂商依据利润最大化进行决策，政府保持预算平衡。

（1）家庭

代表性消费者的终生效用函数为：

$$U = E_0 \sum_{t=0}^{\infty} \beta^t u_t$$

其中 U 为终生效用现值， $0 \leq \beta \leq 1$ 为贴现率， u_t 为 t 期效用。假设 $u_t = \alpha \ln c_t + \varepsilon \ln m_t$ ，其中 c_t, m_t 分别表示 t 期人均消费，人均真实货币余额。前边的系数分别衡量了相应变量对当期效用的贡献。

企业

采用柯布-道格拉斯生产函数，形式为： $y = k^i l^j$ ，其中 k, l 分别为人均资本，劳动。

政府

政府能因为 T_t 当期房产税的提高而获得更高的财政税收，设 $G_t = h_t + v$ ，假设政府预算平衡。

3.3 均衡求解

在约束条件 $\beta h_t + h_{t-1} + \beta c_t + c_{t-1} = \frac{1}{1+r} w_t + w_{t-1}$ 下求解最大的 $U = E_0 \sum_{t=0}^{\infty} \beta^t u_t$ ，由 DSGE 模型

得出市场均衡条件：

- 1.全要素生产率冲击： $\ln A_t = (1 - \varphi_A) \ln \bar{A} + \varphi_A \ln A_{t-1} + \varepsilon_{A,t}$
- 2.货币政策冲击： $\ln \eta_{m,t} = \varphi_m \ln \eta_{m,t-1} + \varepsilon_{m,t}$
- 3.物价增速冲击： $\ln v_t = (1 - \varphi_v) \ln \bar{v} + \varphi_v \ln v_{t-1} + \varepsilon_{v,t}$
- 4.政府税收冲击： $\ln \eta_{\tau,t} = \varphi_t \ln \eta_{\tau,t-1} + \varepsilon_{\tau,t}$
- 5.消费偏好冲击： $\ln \eta_{c,t} = \varphi_c \ln \eta_{c,t-1} + \varepsilon_{c,t}$

3.4 实证分析

3.4.1 贝叶斯估计

贝叶斯估计是基于后验概率分布（posterior distribution）的一类估计方法，其中后验概率分布中采用了先验信息（prior information）。所谓先验信息，是指已知待估计参数的概率密度函数 $p_0(\theta)$ ，不管是随机变变量或是未知的固定常数。而后验概率分布具有下面的形式，

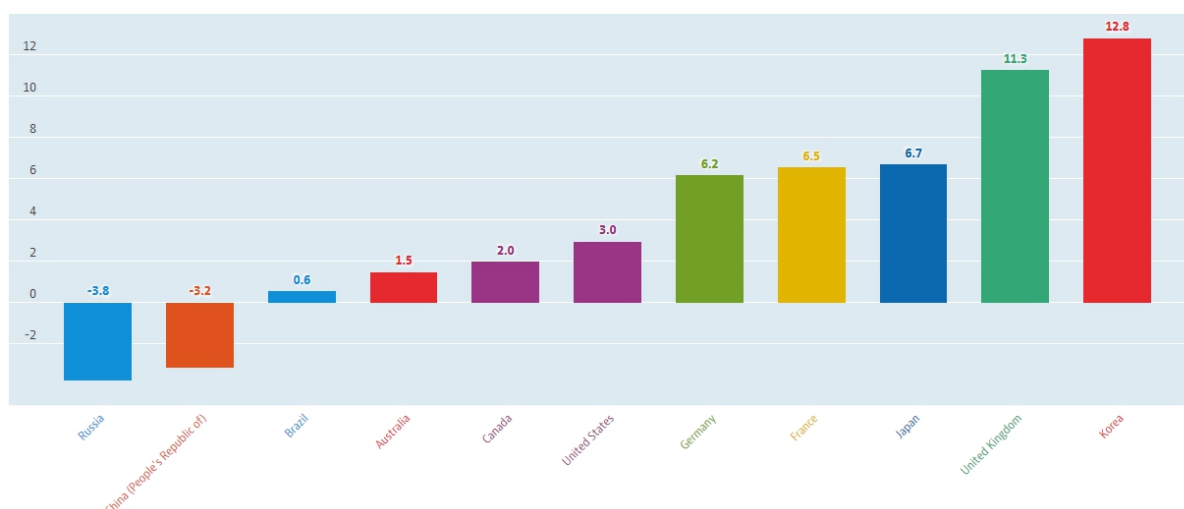
$$p^*(\theta) = c p(X|\theta) p_0(\theta), \quad c = 1/\int p(X|\theta) p_0(\theta) d\theta.$$

贝叶斯估计在参数估计中对于不同的估计结果赋予了不同的代价值，然后求解平均代价最小的情况。

在经典计量经济学模型中广泛采用的最小二乘估计，以及最大似然函数估计和广义矩估计的一个共同特征是，在模型估计中只利用样本信息和关于总体分布的先验信息，而关于分布的先验信息仍然需要通过样本信息的检验，所以说到底还是样本信息。

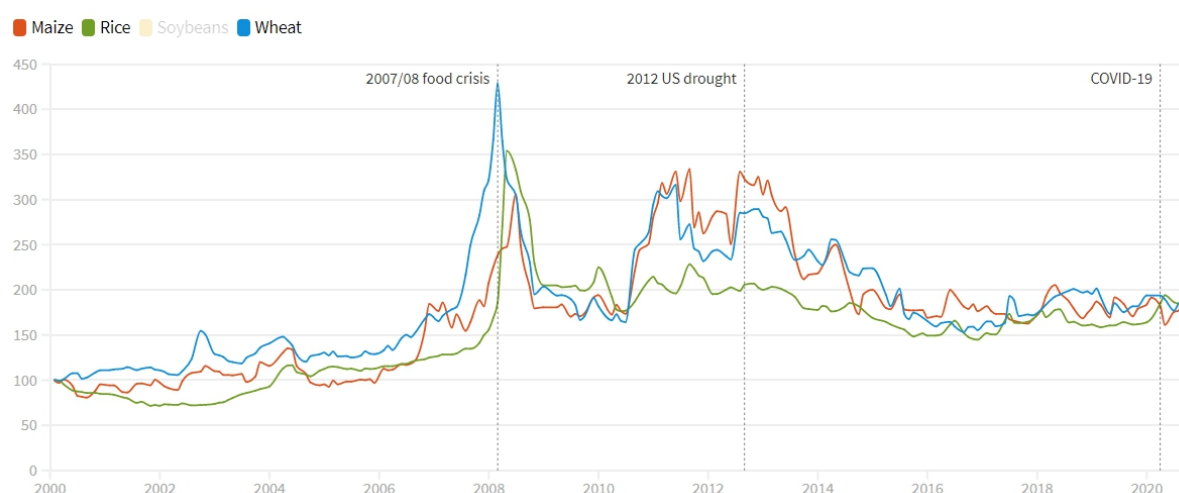
由于模型估计依赖样本信息，这就要求样本信息足够多，因此，这些估计只有在大样本情况下才具有一定的优良性质。但是在许多实际应用研究中，人们无法重复大量的实验以得到大量的观测结果，只能得到少量的观测结果。在小样本情况下，最小二乘估计、最大似然估计和广义矩估计不再具有优良性质。因而，人们不得不寻求小样本情况下的优良估计方法。贝叶斯估计方法就是其中之一。

图 13：疫情对国际商品贸易和服务贸易影响



在 6 月和 7 月强劲回升之后，8 月和 9 月国际商品贸易趋于稳定，但在大多数经济体中，国际贸易仍比危机前水平低约 10-15%。服务贸易，特别是旅游服务仍然脆弱，总的服务贸易比危机前水平低约 20%

图 14：疫情对农业的影响



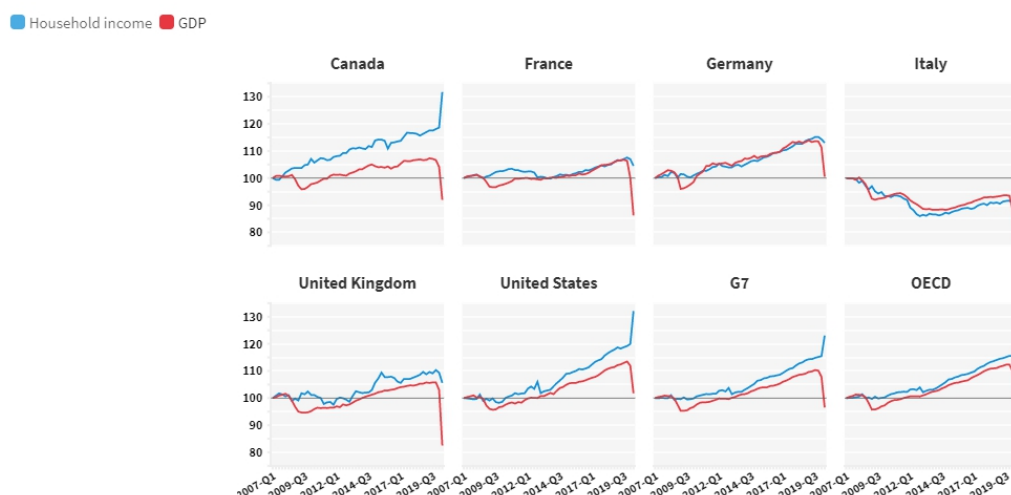
COVID-19 疫情席卷了农业和食品部门，人们担心健康危机会发展成为类似于 2007-08 年食品价格危机的大规模食品危机。

解决办法

要快速获得有关粮食供应，市场状况和政策措施的准确，及时的信息，使政府可以向市民保证，有足够的主粮作物，可以防止因紧急购买而导致人为短缺和价格上涨。当时经历的一些市场瓶颈是由于对 COVID-19 的担忧而导致的突然需求激增，以及贸易和运输的中断，尤其是由于边境程序和检疫措施的影响。

尽管存在持续不断的风险和未来的风险需要引起注意，但透明度对于全球市场的运作和提供可负担的食品的弹性供应至关重要。在危机时期，它可以提供可靠的信息，以评估风险并确定瓶颈，并允许决策者，消费者，生产者和贸易商采取有效措施。

图 15：疫情对欧美国家 GDP 和家庭收入的影响



尽管人均 GDP 大幅下降了 10.6%，但由于有政府针对 COVID-19 的支持措施，家庭的收入在 2020 年第二季度以来首次实现了 5.3% 的增长。

美国和加拿大的家庭人均收入分别增长了 11.0% 和 10.1%，反映了为响应 COVID-19 而向家庭部门进行的广泛直接货币转移。但是，鉴于这些措施的暂时性，预计这两个国家的家庭收入都将在第三季度收缩。

爱尔兰（3.6%），澳大利亚（2.7%）和芬兰（1.1%）的人均实际家庭收入增长幅度较小，这些国家的家庭获得的社会福利大幅增加。

尽管第二季度德国，法国，英国和意大利的实际家庭人均收入继续下降，但家庭收入的增长远好于 GDP 的增长，反映出这些国家政府提供的援助虽然较小但持续。

图 16：疫情对航空业的影响

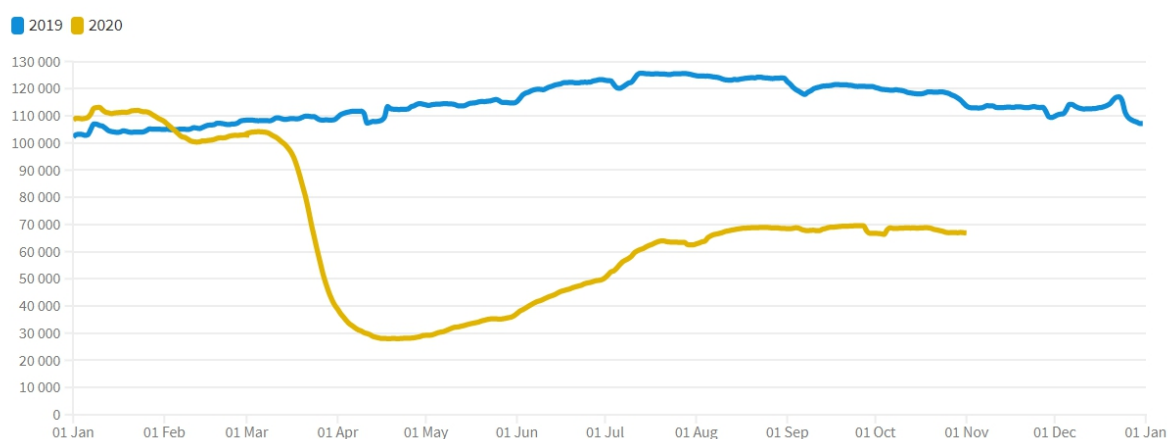
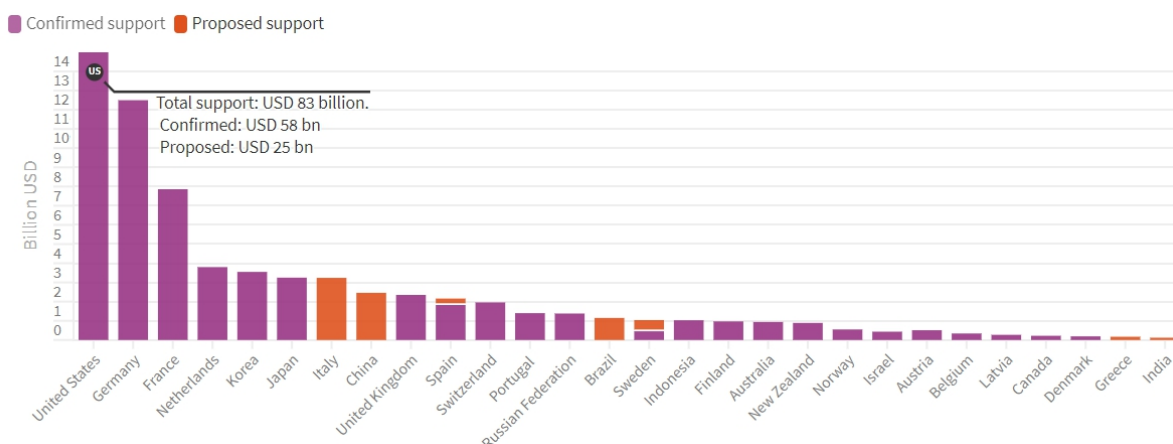


图 17：各国对航空业的支持政策



自 COVID-19 生效以来，商业航空运输受到了严重打击。根据国际航空运输协会（International Air Transport Association）的数据，以收入客公里计算的客运航空运输量在 2020 年 4 月同比下降了 90%，但在 8 月仍然下降了 75%。经济活动和贸易的崩溃也影响了货运，但程度较小，4 月份同比下降近 30%，8 月份仍下降约 12%。商业空中交通继续挣扎，全球航班数量比危机前水平低 40% 以上。

政策

截至 2020 年 8 月，政府已向航空公司提供了约 1,600 亿美元的支持，其中几乎三分之二是直接援助，例如补贴，贷款，股权和现金注入。

各国政府在支持航空业的同时，对更广泛的航空产业采取政策支持，提高航空产业（例如飞机，发动机制造商和机场）在整个价值链中的竞争力，并在提高航空业的可持续性和效率之间取得平衡。

4 问题三的模型建立与求解

本问题主要基于问题一和问题二的模型，得出问题三结果。

4.1 问题结果

图 18：没有及时采取全接触半解除的预测模型

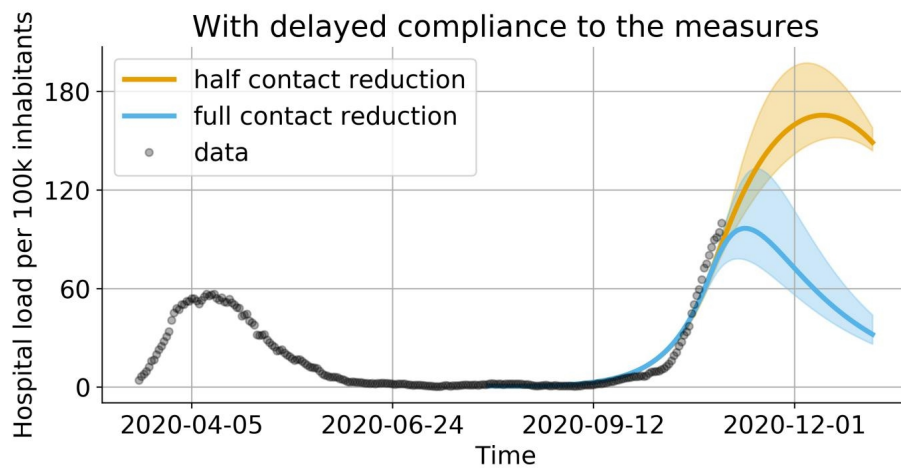


图 19: 及时采取全接触半解除的预测模型

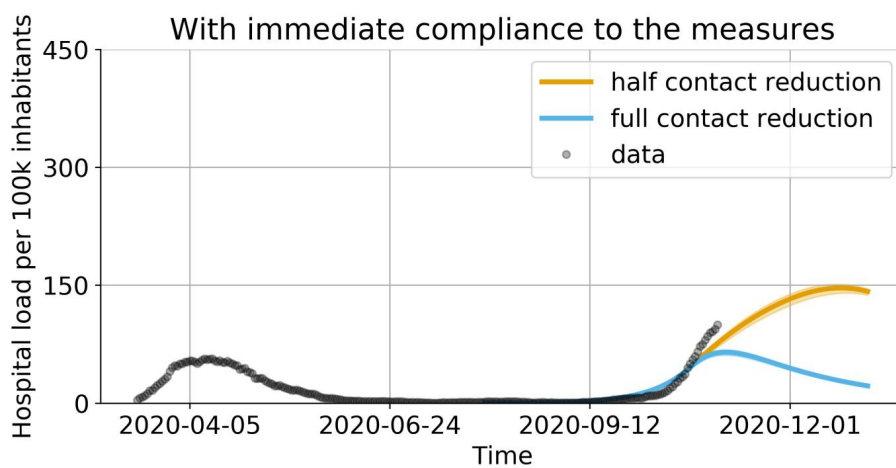
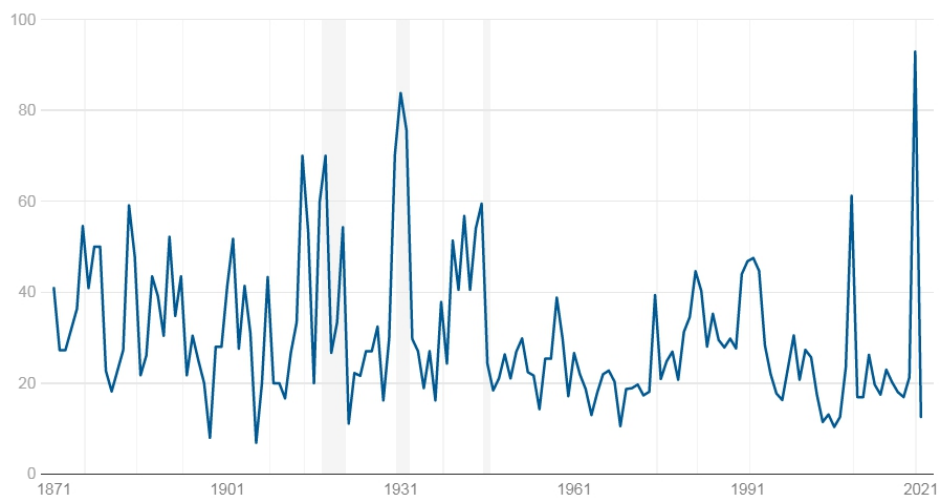
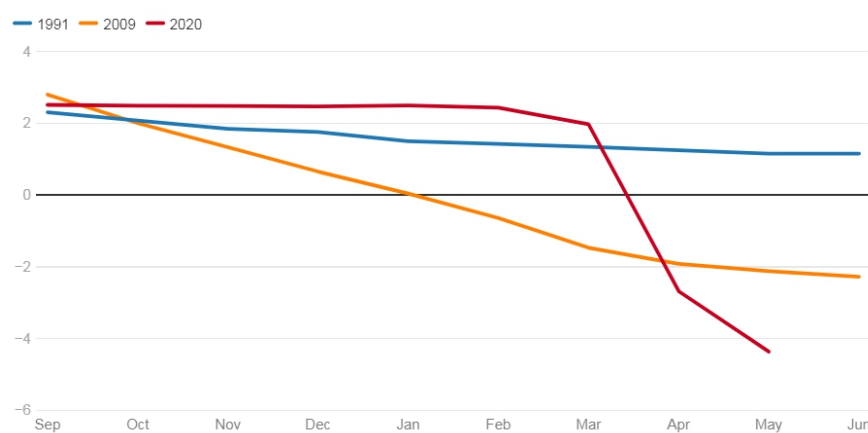


图 20: 1871-2021 年经济衰退所占份额



(注: 经济体在人均国内生产总值中所占的比例。阴影区是指全球衰退。2020-21 年的数据是预测)

图 21: 全球 GDP 的预测



图中看出 COVID-19 衰退是自 1990 年以来，在所有全球经济衰退中下降最快的。

图 22: 全球 GDP 的预测

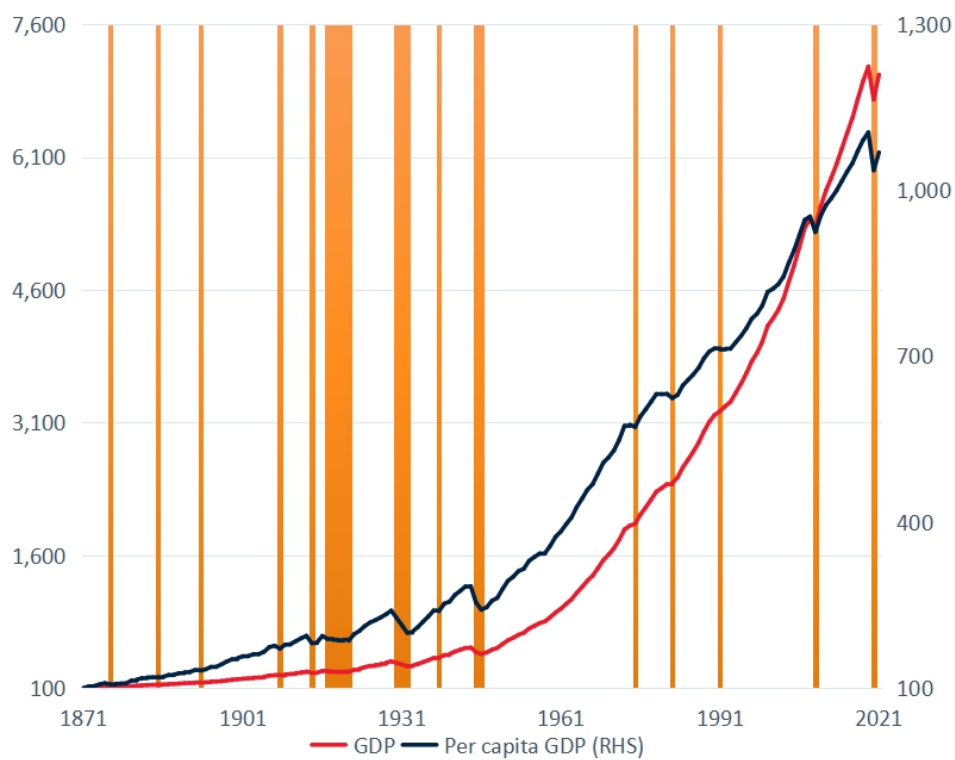


图 23: 经济趋势

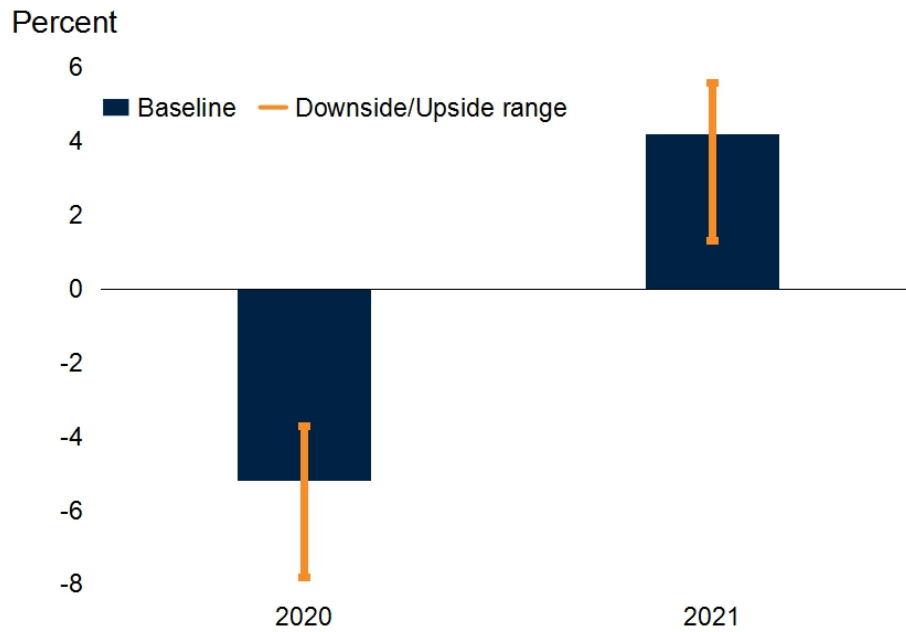
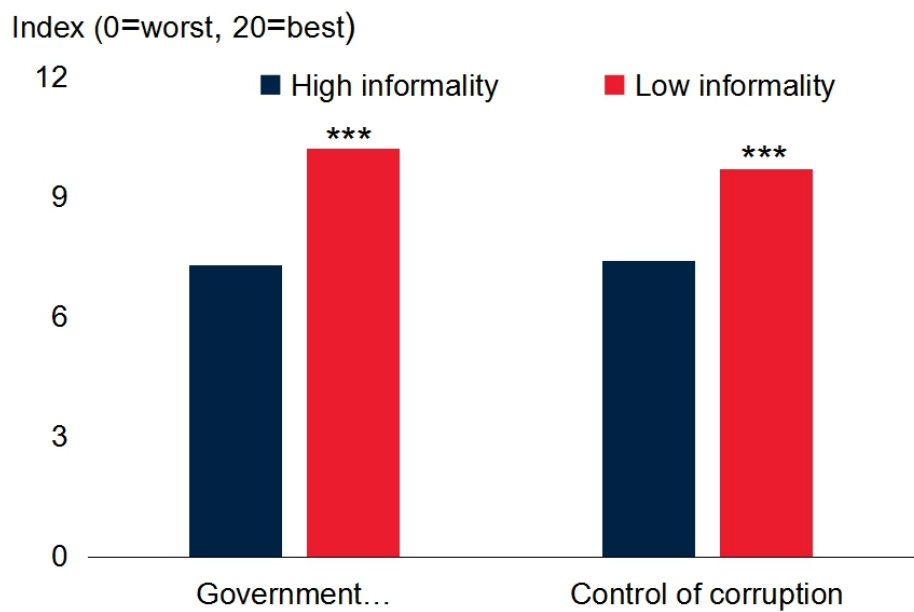


图 24：政策作用



附录

参考文献

1. Ángeles-Serrano, M. & Boguñá, M. Clustering in complex networks. II. Percolation properties. Phys. Rev. E 74, 056116 (2006).
2. Anderson, R. M., May, R. M. & Anderson, B. Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control

(Oxford Science Publications, 1992).

3. Diekmann, O. & Heesterbeek, J. A. P. *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases: Model Building, Analysis and Interpretation* (Wiley Series in Mathematical & Computational Biology, 2000).
4. Keeling, M. J. & Rohani, P. *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals* (Princeton Univ. Press, 2008).
5. Rogers, E. M. *Diffusion of Innovation* 4th edn (Free Press, 1995).
6. Albert, R., Jeong, H. & Barabási, A-L. Error and attack tolerance of complex networks. *Nature* 406, 378–482 (2000).
7. Pastor-Satorras, R. & Vespignani, A. Epidemic spreading in scale-free networks. *Phys. Rev. Lett.* 86, 3200–3203 (2001).
8. Cohen, R., Erez, K., ben-Avraham, D. & Havlin, S. Breakdown of the Internet under intentional attack. *Phys. Rev. Lett.* 86, 3682–3685 (2001).
9. Freeman, L. C. Centrality in social networks: Conceptual clarification. *Social Networks* 1, 215–239 (1979).
10. Friedkin, N. E. Theoretical foundations for centrality measures. *Am. J. Sociology* 96, 1478–1504 (1991).
11. Bollobás, B. *Graph Theory and Combinatorics: Proceedings of the Cambridge Combinatorial Conference in Honor of P. Erdős Vol. 35* (Academic, 1984).
12. Seidman, S. B. Network structure and minimum degree. *Social Networks* 5, 269–287 (1983).